

L'UNIVERSITÉ DE VERSAILLES SAINT-QUENTIN-EN-YVELINES
présente

L'AVIS DE SOUTENANCE

De Monsieur **Mekki BOUSSAHA** autorisé à présenter ses travaux en vue de l'obtention de l'Habilitation à Diriger des
Recherches à l'Université de Versailles Saint-Quentin-en-Yvelines en :

Biochimie, Biologie Moléculaire

**« Dynamique fonctionnelle et évolutive des variations génomiques chez le bovin
à partir de données de séquences génome entier »**

LE VENDREDI 27 AVRIL 2018 A 9H00

A

**INRA – CENTRE DE RECHERCHE DE JOUY-EN-JOSAS
BATIMENT 440 - AMPHITHEATRE
DOMAINE DE VILVERT
78352 JOUY EN JOSAS CEDEX**

MEMBRES DU JURY

Christèle ROBERT-GRANIE, *Directrice de recherche, Université de Lyon - Rapporteur*

Sandrine LAGARRIGUE, *Professeur, Institut National de la Recherche Agronomique - Rapporteur*

Henri-Jean GARCHON, *Professeur des Universités - Praticien Hospitalier, Université de Versailles Saint-Quentin-en-Yvelines - Examineur*

Daniel GAUTHERET, *Professeur, Institut de Biologie Intégrative de la Cellule, Université Paris-Sud - Examineur*

Claudine LANDES, *Professeur, Université d'Angers - Examineur*

«Dynamique fonctionnelle et évolutive des variations génomiques chez le bovin à partir de données de séquences génome entier »

Présentée par : Monsieur Mekki BOUSSAHA

Résumé

Les technologies de séquençage de génome complet permettent d'étudier l'ensemble des variations génomiques par comparaison de séquences. Chez les bovins, ces études ont surtout porté sur les polymorphismes nucléotidiques simples et les petites insertions ou délétions. Cependant, d'autres modifications génomiques telles que les variations de structure et l'insertion d'éléments transposables sont à ce jour moins bien étudiés, malgré leur importance. Je m'attache à étudier la dynamique évolutive et fonctionnelle de ces nouveaux marqueurs génétiques afin de mieux comprendre l'architecture du génome bovin, d'une part et d'élucider leur effet sur certains caractères d'intérêt zootechnique, d'autre part.

Abstract

High-throughput sequencing technologies have offered in recent years new opportunities to study the whole spectrum of genomic variations in many species. In cattle, however, these studies have mostly focused on single nucleotide polymorphisms and small insertions or deletions. Other structural variants, such as large insertions or deletions, tandem duplications, translocations, inversions and insertion of transposable elements are less well studied. I am interested in studying the evolutionary and functional dynamics of these new genetic markers in order to better understand the architecture of the bovine genome and also to elucidate their effect on certain phenotypes of interest.